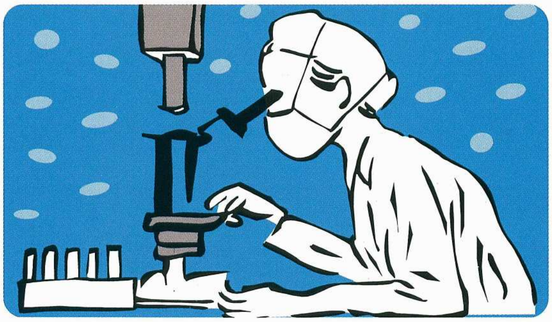
代謝剖析圖是基因组的碑文嗎？

Metanomics－代謝基因組學簡介

＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊＊ ◎農試所農藝組　王強生



人類對生命的追求是永遠無法滿足的，隨著科技的進步，尤其是最近分子生物技術的發展，例如人類基因圖譜及水稻基因組解碼的快速進展。在即將進入後基因組之功能性基因組學（functional genomics）時，似乎意味著代謝剖析植物體功能的時候已成熟了，預料未來的20年將是植物代謝分析表現的時代了，我們必須提早因應以免落後太多，這也是本文的目的。

在過去20年，我們對於基因組研究已有極大進展，尤其在DNA序列分析之進展更是神迅，阿拉伯芥已解碼完全，水稻基因組定序也將於今年(2002)內完成。雖然DNA解序仍然耗錢、耗時、耗人力，但由於電腦及軟體的開發，我們已可便捷的在研究室查尋比對自己的DNA序列，推測其功能。

未來植物研究將進入功能研究的紀元，即由一推測功能的基因之假說開始，進行多種可能的功能假說之測試、修正、修正假說等，以確定基因眞正的功能。過去數年基因表現序列標記（Expression Sequence Tag, EST）大規模定序成果，爲所有分子生物學家的未知研究結果，提供成爲具有科學價值之建議資料。

植物是地球上最佳的工廠，因爲它是：效率的、永續的及零污染的。由於植物具有廣大多樣性，包含極大變異之化學組成，因此未來植物代謝工程（metabolic engineering）之應用潛力是無窮盡的。目前已有的成果已可証明，經由控制一小群植物的基因，可以提高植物代謝物之產量及品質。尤其是植物工廠，爲化學物質的生產提供一個永續，且對環境無污染的工業動力。因此設計作物（designer crops）這一領域的市場潛力是無窮的，很少有一科學領域的商業潛力可以與植物生物化學相比的。

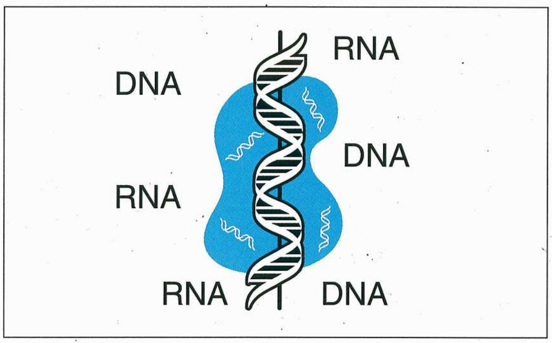
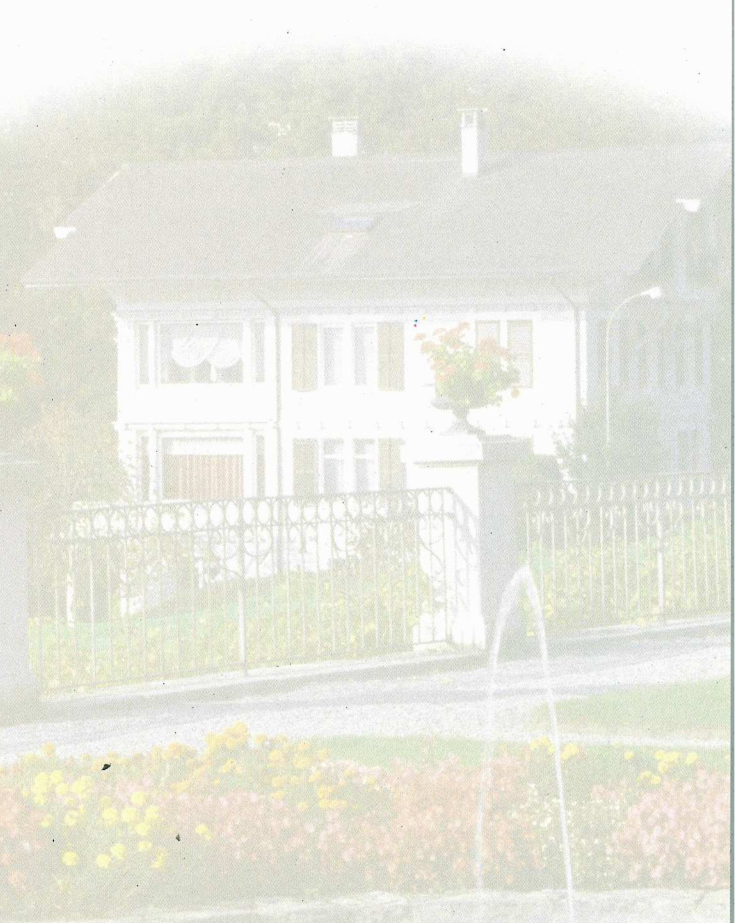
然而，我們對植物生化的瞭解可以說是極少的。這也是至今，在植物代謝工程的成果是極爲有限的原因，因爲植物的代謝產物（metabolites）不僅是其合成途徑中的一小

作者：王研究員強生
聯絡電話：04-23302301轉137

步，更同時扮演感應器（sensors）及調節物（regulators）的角色。例如，促進合成通常伴會隨著分解途徑活性的提高，而代謝物的改變，通常會導致代謝網（metabolic networks）中相當複雜的變化。

目前由植物生化的研究成果來測試基因功能所得的進展有限，更遠不及由mRNA或蛋白質層次之研究來得豐碩。然而，大家都知道，mRNA 的改變不一定會改變蛋白質產物，而蛋白質的變化也不一定導致活性的改變，而且蛋白質活性的變化，也未必影響最終產物。由於 mRNA 及蛋白質所能提供的資訊，並不包含下游調節因子的影響，因此永遠無法滿足植物生化學家的需求。

對代謝工程研究而言，最好的策略是：直接分析植物組成及決定組成的因子。因此，將化學分析和遺傳分析直接結合，即產生metanomics “代謝基因組學”（metabolic genomics）這門新的科學。

無論代謝剖析是否能和基因組學結合，都是一門令人神往的科學。然而，技術上是否可行，是所面臨的第一個問題。隨著分析化學的發展，對小分子分離、偵測技術之特異性及敏感度的提高，將使代謝剖析更為可行。但未來要做的是，如何在一次微量分析中，能回收及定量特定化合物，或偵測所有包含的化合物種類，並達到可容忍的準確度。實際上，代謝剖析正處於嬰兒期，仍有很長的路要走，值得植物生化學家全力以赴。

代謝剖析不僅是植物基因組的碑文，如能有效的利用分析方法，將可解碼植物基因的生化功能，並解開基因在植物代謝調控網之迷津。